

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

V.1 Kesimpulan

Berdasarkan dokumen - dokumen SKPL dan DPPL yang telah dibuat serta hasil uji coba yang telah dilakukan maka dapat disimpulkan bahwa :

1. Penulis berhasil mengembangkan sebuah aplikasi yang dapat digunakan untuk mensejajarkan DNA antar spesies menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*.
2. Pada kasus pensejajaran DNA, algoritma *Needleman Wunsch* lebih handal dari algoritma

View metadata, citation and similar papers at core.ac.uk

brought to you by  **CORE**
provided by UAJY repository

yang menggunakan algoritma *Needleman-Wunsch* lebih tinggi dibanding algoritma *Naive Brute Force*.

V.2 Saran

Untuk pengembangan lebih lanjut, penulis mengajukan beberapa saran, yaitu :

1. Pengembangan algoritma ini masih mungkin dilakukan, sebagai contoh meminimalisasi matriks pada algoritma *Needleman-Wunsch*, dengan demikian proses pensejajaran DNA dapat dijalankan dengan lebih baik.
2. Dapat menerapkan kedua algoritma ini pada berbagai aplikasi lainnya.

DAFTAR PUSTAKA

Alan M.Davis, Software Requirement, Prentice Hall, International Edition, 1993

Abdul Kadir, Pemograman C++, 1995

Bozkaya, T., N. Yazdani and M. Ozsoyoglu. 1997. Matching and indexing sequences of different lengths. Proceedings of the Sixth International Conference on Information and Knowledge Management 6: 128-135.

Drs. Ario Suryo Kusumo, Visual Basic.NET, 2002

Giegerich, R. and D. Wheeler. 1996. Pairwise sequence alignment. Biocomputing Hypertext Course Book

Gusfield, D. 1997. Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge University Press, New York. 60 p.

GL01, *Spesifikasi Kebutuhan Perangkat Lunak*, Jurusan Teknik Informatika - UAJY

<http://id.wikipedia.org/wiki/Bioinformatika>

<http://id.wiki.detik.com/wiki/Sekuensing>

<http://www.facweb.iitkgp.ernet.in/~arijit/courses/autumn2006/cs60001/lec-kmp-1.pdf>

<http://www.ludwig.edu.au/course/lectures2005/Likic.pdf>

<http://bioinformatics.org/faq/> Daftar pertan?aan ?ang sering muncul tentang bioinformatika

<http://ilmukomputer.com/umum/witarto>
bioinformatika.php Bioinformatika dan bioteknologi(oleh Arief B. Witarto, peneliti LIPI)

<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/> Jurnal Bioinformatics], salah satu jurnal ilmiah ?ang memfokuskan diri pada tema bioinformatika

<http://www.iscb.org/> International Society for Computational Biology (ISCB)

<http://www.apbionet.org/> Asia Pacific Bioinformatics Network (APBioNet)

<http://www.usm.maine.edu/~erhodes/Goodies/Matics.html> Tutorial bioinformatika untuk pemula (menggunakan alat-alat bioinformatika yang tersedia di internet)

<http://groups.yahoo.com/group/ilmukomputer-bioinformatika/> Milis bioinformatika di Indonesia]

Keinduangjun, J. 2000. Bio-Mirror.

Munir, Rinaldi, *Strategi Algoritmik*, 2005

National Center for Biotechnology Information (NCBI). 2000. Basic local alignment search tool (BLAST).

Presman Roger S., *Rekayasa Perangkat Lunak*, McGraw-Hill Book Co., Andi Yogyakarta, 1997

Sirinawin, J. 1995. The Structure and Function of Gene and Chromosome. Essential Medical Genetics. 5p.

www.nano.lipi.go.id

Wiki.stttelkom.ac.id

Yang, R. 1998. Multiple protein/DNA sequence alignment with constraint programming. Proceedings of the Fourth International Conference on the Practical Application of Constraint Technology 4: 159-166.

SKPL

SPESIFIKASI KEBUTUHAN PERANGKAT LUNAK


Pengembangan Aplikasi Pensejajaran DNA
Dengan Menggunakan Algoritma
Naive Brute Force Dan Needleman-Wunsch

Dipersiapkan oleh:

REGGIE MENDIE JACOBUS / 03.07.03846

Program Studi Teknik Informatika - Fakultas Teknologi
Industri

Universitas Atma Jaya Yogyakarta

	Nomor Dokumen		Halaman
	SKPL		1/17
	Revisi		Tgl : 14-09-2007

Program Studi Teknik
Informatika
Fakultas Teknologi Industri

1. Pendahuluan

Tujuan

Tujuan dari dokumen spesifikasi kebutuhan perangkat lunak (SKPL) dalam pengembangan aplikasi pensejajaran DNA dengan menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan algoritma *Needleman-Wunsch* yaitu mendefinisikan spesifikasi dan kebutuhan sebagai tahap awal pengembangan perangkat lunak. Secara lebih lanjut, SKPL juga merupakan suatu bentuk alat yang digunakan oleh pihak *developer* (pengembang) dan *user* (pengguna) untuk berkomunikasi demi tercapainya suatu pemahaman yang sama terhadap penyusun dasar dari sebuah sistem informasi yang akan dikembangkan. Hal ini akan mempermudah dalam pembelajaran dan pengembangan terhadap perangkat lunak (*Software*) yang bersangkutan.

SKPL ini membahas antarmuka eksternal (antarmuka perangkat lunak, perangkat keras, dan pengguna), perfomansi (kemampuan perangkat lunak dari segi kecepatan, tempat penyimpanan yang dibutuhkan, serta keakuratan), atribut (*feature-feature* tambahan yang dimiliki sistem), mendefinisikan fungsi perangkat lunak, serta mendefinisikan batasan perancangan perangkat lunak.

Lingkup Masalah

Perangkat Lunak ini dikembangkan dengan tujuan untuk:

1. Membuat suatu aplikasi berbasis komputer yang dapat digunakan untuk mensejajarkan DNA antar spesies

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	5/16
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*.

2. Dapat membandingkan unjuk kerja dari algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch* dalam pensejajaran DNA.

Definisi, Akronim dan Singkatan

Daftar definisi akronim dan singkatan :

Keyword/Phrase	Definisi
SKPL	Merupakan spesifikasi kebutuhan dari perangkat lunak yang akan dikembangkan.
DNA	Deoxyribose Nucleic Acid adalah asam nukleotida yang mengandung instruksi genetik yang menentukan perkembangan biologis dari seluruh bentuk kehidupan sel.

Referensi

Referensi yang digunakan pada perangkat lunak tersebut adalah:

1. GLO1, *Spesifikasi Kebutuhan Perangkat Lunak*, Jurusan Teknik Informatika - UAJY
2. Presman Roger S., *Rekayasa Perangkat Lunak*, McGraw-Hill Book Co., Andi Yogyakarta, 1997.
3. Alan M.Davis, *Software Requirement*, Prentice Hall, International Edition, 1993.

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	6/16
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

Deskripsi umum (Overview)

Secara garis besar, dokumen SKPL ini terdiri atas 3 bagian utama, pertama adalah bagian pendahuluan yang meliputi tujuan, lingkup masalah, definisi akronim dan singkatan yang digunakan, referensi, dan deskripsi umum tentang dokumen SKPL ini.

Kemudian yang kedua adalah deskripsi umum/menyeluruh tentang produk yang menyangkut perspektif produk, fungsi produk, karakteristik, batasan-batasan, serta asumsi dan ketergantungan sistem tersebut. Untuk perspektif produk masih dibagi lagi menjadi beberapa bagian yaitu antarmuka pemakai, antarmuka keras, antarmuka perangkat lunak, batasan memori, dan operasi.

Yang ketiga menyangkut tentang kebutuhan-kebutuhan khusus beserta penjelasan lengkap dari sistem tersebut. Kebutuhan khusus yang dimaksud adalah kebutuhan antarmuka eksternal, kebutuhan fungsionalitas yang mencakup DFD (Data Flow Diagram) dan penjelasan mengenai setiap proses yang terjadi pada sistem tersebut.

2. Deskripsi Kebutuhan

Perspektif produk

Perangkat lunak ini merupakan perangkat lunak yang dikembangkan untuk melakukan pengujian kekerabatan langsung pada organisme. Dalam proses pengujian tersebut DNA dari kedua organisme tersebut disejajarkan. Apabila ditemukan ketidakcocokan melebihi batas toleransi

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	7/16
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

tertentu, maka dapat dipastikan bahwa kedua organisme tersebut tidak mungkin memiliki hubungan kekerabatan langsung. Namun sebaliknya jika hasil pengujian kurang dari batas toleransi tertentu, maka dapat dipastikan bahwa kedua organisme tersebut memiliki hubungan kekerabatan langsung.

Data-data yang diinputkan mencakup DNA yang merupakan rangkaian string dari kedua organisme. Dari data-data inilah kemudian dilakukan pengujian menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*. Hasil dari pengujian menggunakan kedua algoritma tersebut kemudian dibandingkan untuk menentukan algoritma manakah yang lebih handal.

Pengujian dengan menggunakan algoritma *Needleman-Wunsch* dilakukan dengan cara user menginputkan DNA A dan DNA B, kemudian mendefinisikan nilai kecocokan, ketidakcocokan, dan nilai penalti karena suatu karakter diganti celah. Setelah dilakukan perhitungan menggunakan algoritma *Needleman Wunsch* maka didapatkan nilai kecocokan maksimum, jika nilai tersebut lebih besar daripada batas minimal nilai kecocokan kedua DNA tersebut maka dipastikan kedua organisme tersebut termasuk dalam spesies yang sama atau satu spesies, namun sebaliknya jika nilai tersebut lebih kecil daripada batas minimal nilai kecocokan kedua DNA tersebut maka dipastikan kedua organisme tersebut tidak termasuk dalam spesies yang sama.

Pengujian dengan menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dilakukan dengan cara user menginputkan DNA A dan

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	8/16
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

DNA B, kemudian algoritma *Naive Brute Force* akan melakukan pencocokan string kedua DNA secara traversal.

2.1.1 Antarmuka Pemakai

Interaksi antara user dengan sistem dilakukan pada monitor standar dengan spesifikasi 800x600 pixel. Menu yang ditampilkan adalah menu window untuk melakukan input dan display hasil pengujian.

2.1.2 Antarmuka Perangkat Keras

Piranti antarmuka perangkat keras yang dibutuhkan dalam perangkat lunak ini adalah :

1. CPU
2. Monitor
3. Mouse
4. Keyboard

2.1.3 Antarmuka Perangkat Lunak

Perangkat lunak yang diperlukan dalam pengoperasian perangkat lunak ini adalah sebagai berikut :

1. Nama : Windows XP
Sumber : Microsoft
Sebagai sistem operasi dimana perangkat lunak dijalankan.
2. Nama : Visual Basic .NET 2003
Sumber : Microsoft
Sebagai *tool* pembuatan program dan *user interface*.

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	9/16
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

2.1.6 Batasan Memori

Batasan memori primer yang diperlukan dalam operasional perangkat lunak ini adalah RAM minimal 128 MB.

2.1.7 Operasi

Variasi model operasi yang dibutuhkan dalam pengembangan perangkat lunak ini adalah *mode interaktif*, yaitu *user* hanya dapat melakukan pemasukan data DNA dan memperoleh informasi hasil uji DNA oleh sistem.

Fungsi produk

a. **Fungsi Pensejajaran DNA Menggunakan Algoritma Naive Brute Force**

Adalah fungsi yang digunakan untuk melakukan pensejajaran DNA menggunakan algoritma *Naive Brute Force*.

b. **Fungsi Pensejajaran DNA Menggunakan Algoritma Needleman-Wunsch**

Adalah fungsi yang digunakan untuk melakukan pencocokan DNA menggunakan algoritma *Needleman-Wunsch*.

c. **Fungsi Clear**

Adalah fungsi yang digunakan untuk menghapus data-data yang telah diinputkan maupun data hasil pensejajaran yang ditampilkan.

d. **Fungsi Exit**

Adalah fungsi yang digunakan untuk keluar dari sistem.

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	10/16
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

Karakteristik Pengguna

Pengguna (user) perangkat lunak ini memiliki karakteristik sebagai berikut:

1. Memahami pengoperasian komputer secara aktif.
2. Mengerti dan memahami perangkat lunak yang digunakan.

Batasan - batasan

Batasan dalam pengembangan perangkat lunak ini berpedoman pada tujuan dari pengembangan perangkat lunak ini.

Asumsi dan Ketergantungan

Asumsi yang digunakan dalam perangkat lunak ini yaitu:

1. Tersedia perangkat lunak sesuai kebutuhan untuk pengoperasian produk perangkat lunak ini.
2. Entry data informasi oleh User valid.

3. Kebutuhan Khusus

Kebutuhan Antarmuka Eksternal

Kebutuhan antar muka eksternal pada perangkat lunak ini meliputi kebutuhan antarmuka pemakai, antarmuka perangkat keras, dan antarmuka perangkat lunak.

Antarmuka Pemakai

Jenis antarmuka yang digunakan pada perangkat lunak ini adalah jenis antarmuka dengan *format Window*

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	11/16
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

Form atau desktop based. Antarmuka ini digunakan untuk menginputkan karakter DNA dan menampilkan hasil pensejajaran DNA menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan algoritma *Needleman-Wunsch*.

Antarmuka Perangkat Keras

Antarmuka perangkat keras yang digunakan dalam perangkat lunak ini adalah:

1. CPU
2. Monitor
3. Keyboard dan Mouse

Antarmuka Perangkat Lunak

Perangkat lunak yang dibutuhkan untuk mengoperasikan perangkat lunak ini adalah sebagai berikut:

1. Nama : Windows XP
- Sumber : Microsoft

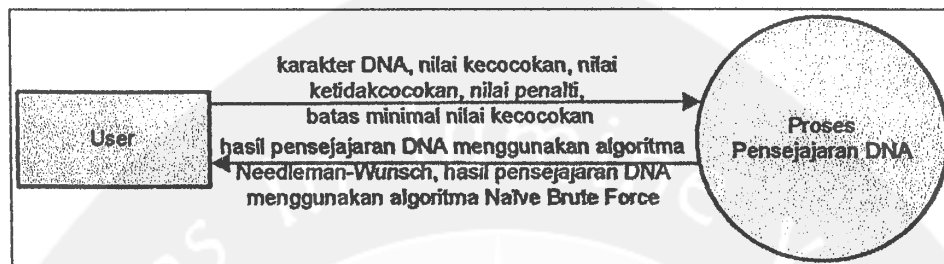
Sebagai sistem operasi dimana perangkat lunak dijalankan.

2. Nama : Visual Basic .NET 2003
- Sumber : Microsoft

Sebagai tool pembuatan program dan user interface.

III.3.1 Kebutuhan Fungsionalitas

III.3.1.1 DFD Level 0



Gambar 3.1 DFD Level 0

Entitas Data

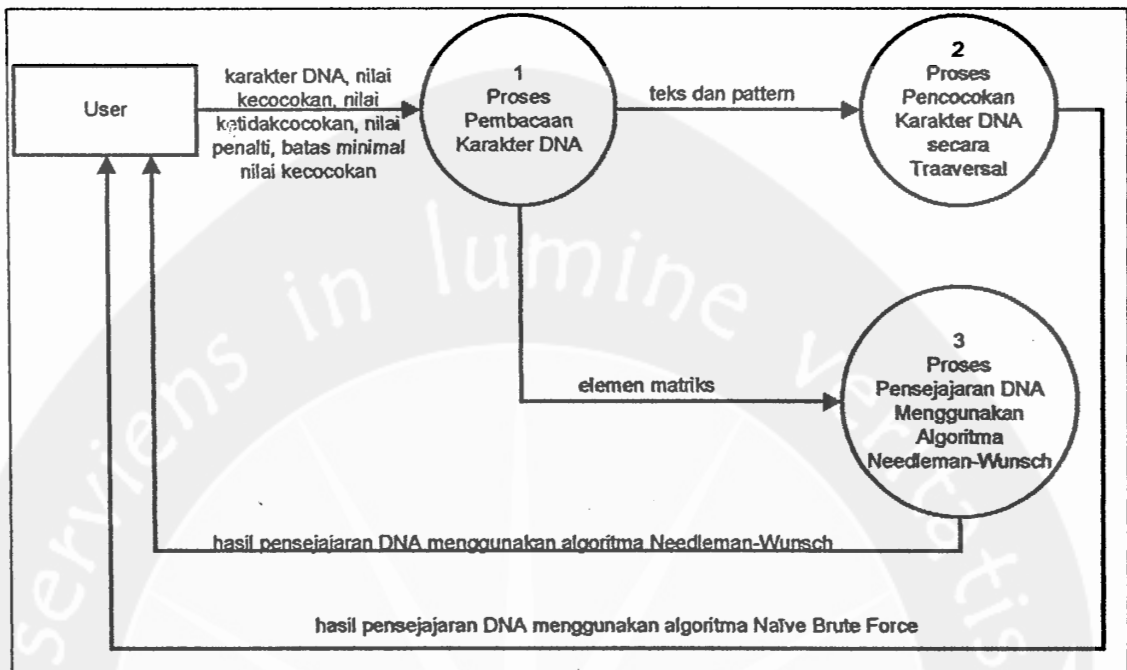
Entitas data yang terlibat adalah *User*.

Proses

Proses yang terjadi dalam DFD Level 0 yaitu user menginputkan karakter DNA, yang kemudian diproses oleh system sehingga menghasilkan informasi hasil pensejajaran DNA menggunakan algoritma Naïve Brute Force dan Needleman-Wunsch.

III.3.1.2 DFD Level 1

III.3.1.2 DFD Level 1



Gambar 3.2 DFD Level 1

Entitas Data

Entitas data yang terlibat adalah User.

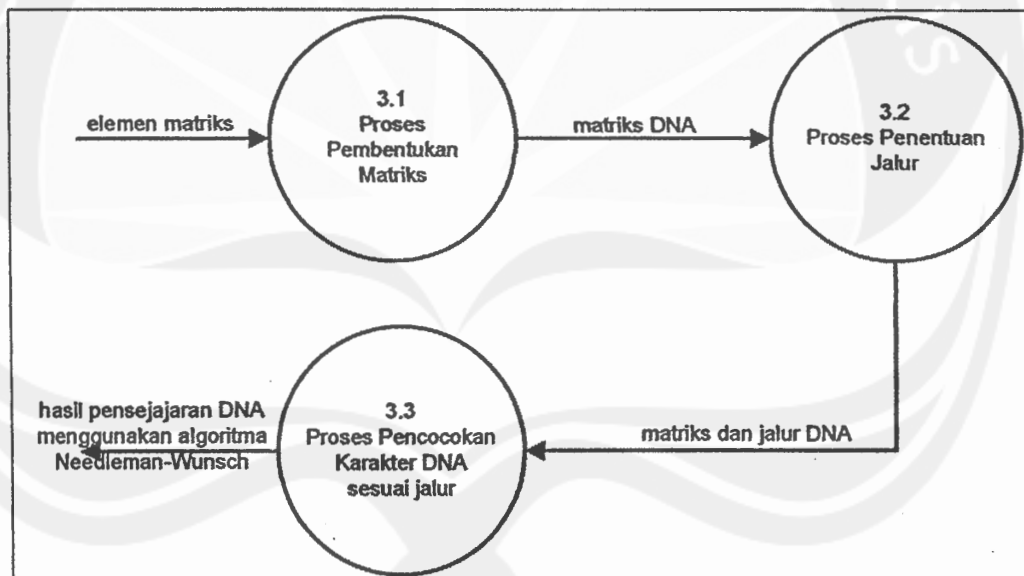
Proses

Proses yang terjadi dalam DFD Level 1 adalah :

1. **Proses Pembacaan Karakter DNA**, adalah suatu proses untuk melakukan pembacaan karakter DNA, karakter DNA yang diinputkan harus merupakan kombinasi dari A,C,G,T. Proses pembacaan karakter DNA menghasilkan teks dan pattern sebagai input proses pencocokan karakter DNA secara traversal dan elemen matriks sebagai input proses pensejajaran DNA menggunakan algoritma Needleman-Wunsch.

2. **Proses Pencocokan Karakter DNA secara Traversal**, adalah suatu proses untuk melakukan pencocokan karakter DNA dimulai dari kanan ke kiri.
3. **Proses Pensejajaran DNA Menggunakan Algoritma Needleman-Wunsch**, adalah suatu proses untuk melakukan pensejajaran DNA menggunakan algoritma Needleman-Wunsch. Outputnya adalah DNA yang telah disejajarkan menggunakan algoritma Needleman-Wunsch.

III.3.1.3 DFD Level 2 Pensejajaran DNA Menggunakan Algoritma Needleman-Wunsch



Gambar 3.3 DFD Level 2 Pensejajaran DNA Menggunakan Algoritma Needleman-Wunsch

Proses

Proses yang terjadi dalam DFD Level 2 Pensejajaran DNA Menggunakan Algoritma Needleman-Wunsch adalah :

Program Studi Teknik Informatika	SKPL	15 / 17
Dokumen ini dan informasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik Informatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik Informatika		

DPPL

DESKRIPSI PERANCANGAN PERANGKAT LUNAK


Pengembangan Aplikasi Pensejajaran DNA
Dengan Menggunakan Algoritma
Naive Brute Force Dan Needleman-Wunsch

Dipersiapkan oleh:

REGGIE MENDIE JACOBUS / 03.07.03846

Program Studi Teknik Informatika - Fakultas Teknologi
Industri

Universitas Atma Jaya Yogyakarta

	Program Studi Teknik Informatika Fakultas Teknologi Industri	Nomor Dokumen		Halaman
		DPPL		1/14
		Revisi		Tgl : 14-09-2007

1. Pendahuluan

1.1 Tujuan

Tujuan dari Dokumen Deskripsi Perancangan Perangkat Lunak (DPPL) dalam pengembangan perangkat lunak aplikasi pensejajaran DNA dengan menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan algoritma *Needleman-Wunsch* yaitu mendefinisikan perancangan perangkat lunak yang akan dikembangkan. Dokumen DPPL ini akan digunakan oleh pengembang perangkat lunak sebagai acuan untuk implementasi pada tahap selanjutnya. Secara lebih lanjut, DPPL juga merupakan suatu bentuk alat yang digunakan oleh pihak *developer* (pengembang) dan user (pengguna) untuk berkomunikasi demi tercapainya suatu pemahaman yang sama terhadap penyusun dasar dari sebuah sistem *inFormasi* yang akan dikembangkan. Hal ini akan mempermudah dalam pembelajaran dan pengembangan terhadap perangkat lunak (*Software*) yang bersangkutan.

Di dalam DPPL ini akan dibahas mengenai deskripsi dari entitas-entitas yang ada (semua entitas yang berhubungan dengan perangkat lunak), rancangan arsitektur (gambaran *Form per Form* yang dapat digunakan oleh user), serta perancangan antarmuka dan fungsionalitasnya (deskripsi maksud dan proses yang terjadi).

1.2 Ruang Lingkup

Perangkat Lunak ini merupakan perangkat lunak yang dengan tujuan

1. Membuat suatu aplikasi berbasis komputer yang dapat digunakan untuk mensejajarkan DNA antar spesies

Program Studi Teknik InFormatika	DPPL	5/14
Dokumen ini dan <i>inFormasi</i> yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik InFormatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik InFormatika		

menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*.

2. Dapat membandingkan unjuk kerja dari algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch* dalam pensejajaran DNA.

1.3 Definisi dan Akronim

Daftar definisi akronim dan singkatan :

Keyword/Phrase	Definisi
DPPL	Merupakan deskripsi peancangan perangkat lunak yang dikembangkan.
DNA	Deoxyribose Nucleic Acid adalah asam nukleotida yang mengandung instruksi genetik yang menentukan perkembangan biologis dari seluruh bertuk kehidupan sel.
User Interface	Merupakan antarmuka yang akan menghubungkan user dengan sebuah sistem atau perangkat lunak yang ada.

1.4 Referensi

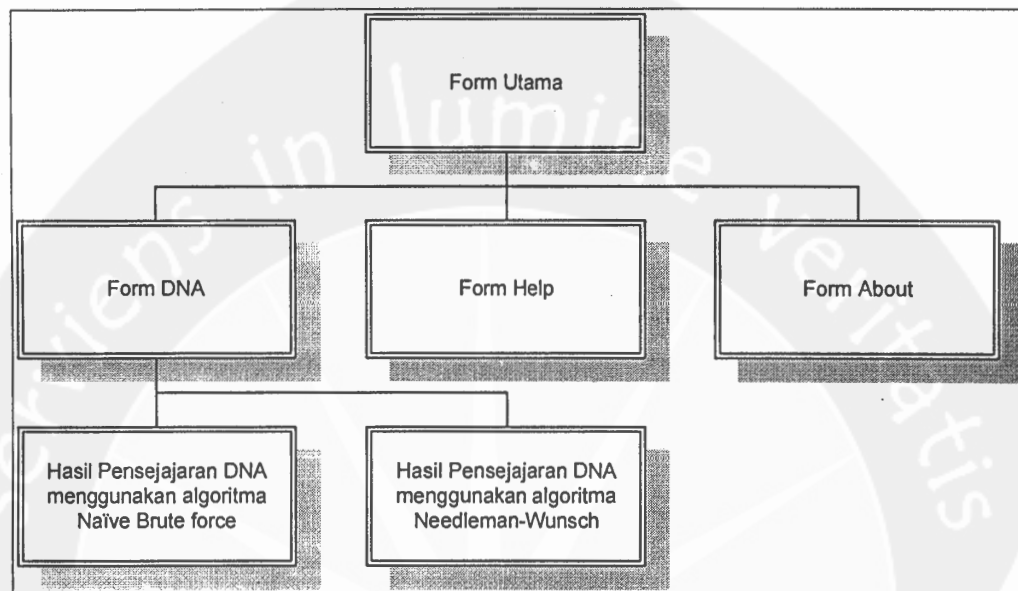
Referensi yang digunakan pada perangkat lunak tersebut adalah:

1. GLO1, *Spesifikasi Kebutuhan Perangkat Lunak*, Jurusan Teknik InFormatika - UAJY
2. Presman Roger S., *Rekayasa Perangkat Lunak*, McGraw-Hill Book Co., Andi Yogyakarta, 1997.

Program Studi Teknik InFormatika	DPPL	6/14
Dokumen ini dan inFormasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik InFormatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik InFormatika		

3. Alan M.Davis, Software Requirement, Prentice Hall, International Edition, 1993.

2. Rancangan Arsitektur

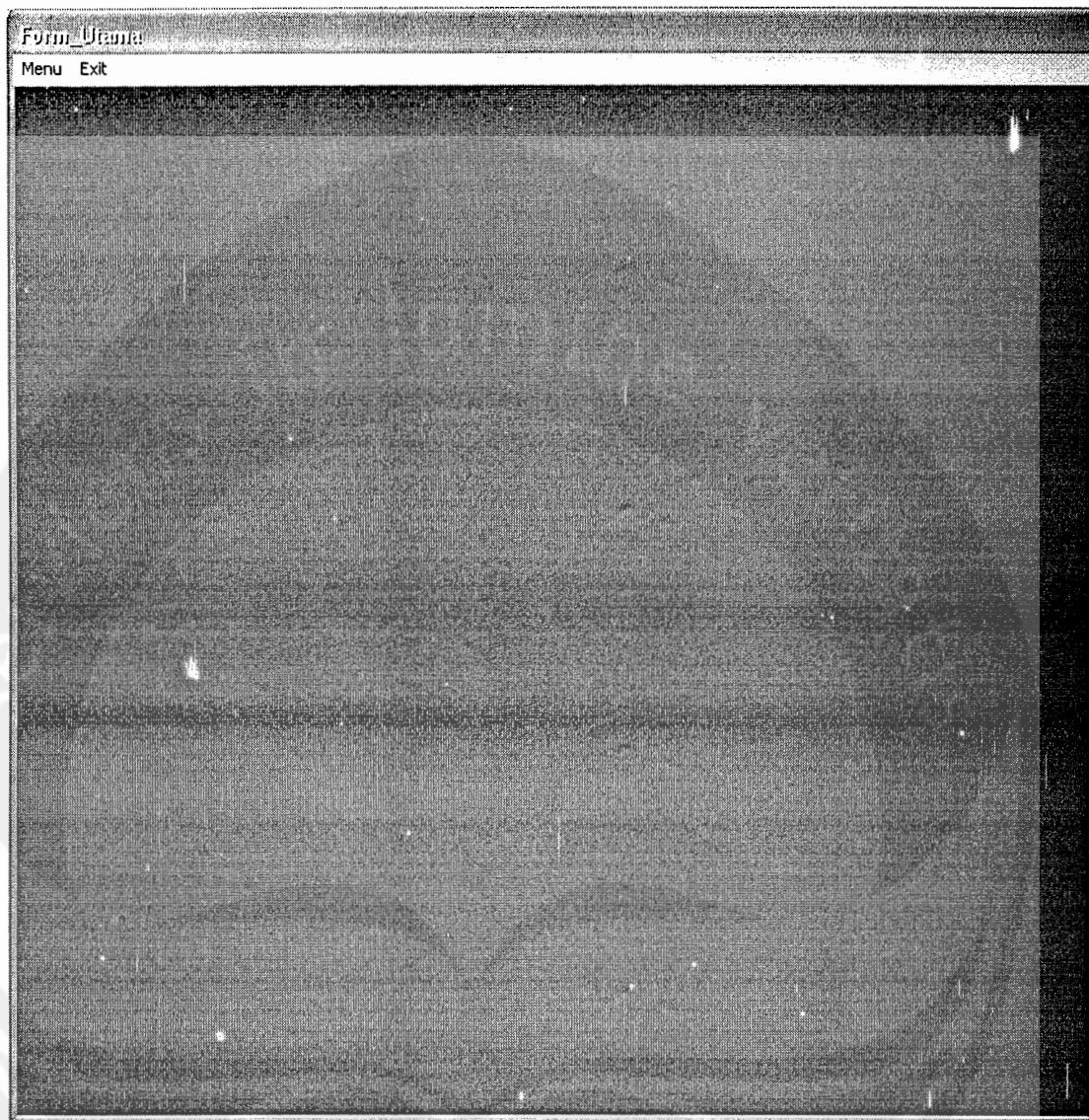


Gambar 2.1 Rancangan Arsitektur

3 Perancangan Antarmuka dan Fungsional

3.1 Antar Muka Menu Utama

Merupakan *Form* yang digunakan sebagai menu utama dan perantara untuk masuk ke dalam *Form-Form* yang lain. *Form* ini terdiri dari menu *load* untuk menampilkan *Form Utama*, menu *help* untuk menampilkan *Form Help*, menu *about* untuk menampilkan *Form About* dan *Exit* untuk keluar dari sistem.



Gambar 3.1 Antarmuka Menu Utama

3.2 Antar Muka DNA

Merupakan *Form* yang digunakan untuk melakukan pensejajaran terhadap DNA. Tab pertama menunjukkan hasil pensejajaran menggunakan algoritma Naive Brute Force, sedangkan tab kedua menunjukkan hasil pensejajaran menggunakan algoritma Needleman-Wunsch.

Program Studi Teknik InFormatika	DPPL	8/14
Dokumen ini dan inFormasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik InFormatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik InFormatika		

Form_DNA

PENGEMBANGAN APLIKASI PENSEJAJARAN DNA

Data DNA

DNA Spesies A (A/C/G/T)

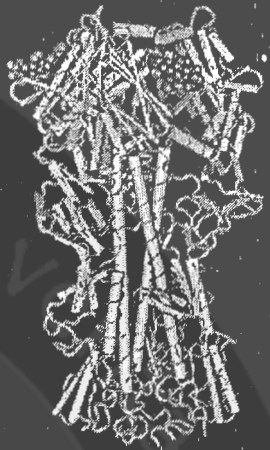
DNA Spesies B (A/C/G/T)

Nilai Kecocokan (+)

Nilai Ketidakcocokan (-)

Nilai Penalti (-)

Batas Minimal Nilai Kecocokan



Naive Brute Force | Needleman-Wunsch

HASIL PENSEJAJARAN MENGGUNAKAN
ALGORITMA NAIVE BRUTE FORCE

Kesimpulan:

Karakter DNA yang Seajar:

Gambar 3.2 Antarmuka Pensejajaran DNA
Menggunakan Algoritma Naive Brute Force

Form_DNA

PENGEMBANGAN APLIKASI PENSEJAJARAN DNA

Data DNA

DNA Spesies A (A/C/G/T)

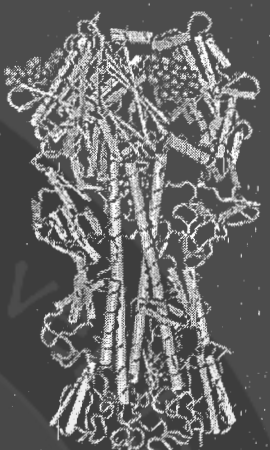
DNA Spesies B (A/C/G/T)

Nilai Kecocokan (+)

Nilai Ketidakcocokan (-)

Nilai Penalti (-)

Batas Minimal Nilai Kecocokan



Naive Brute Force | Needleman-Wunsch

HASIL PENSEJAJARAN MENGGUNAKAN ALGORITMA NEEDLEMAN WUNSCH:

Matriks yang Terbentuk :

Nilai Kecocokan Maksimum :

Jalur DNA A :

Jalur DNA B :

Kesimpulan :

Gambar 3.3 Antarmuka Pensejajaran DNA
Menggunakan Algoritma Needleman-Wunsch

3.2.1 Deskripsi Tombol Generate Data

Merupakan tombol untuk menginputkan data DNA oleh sistem. Data DNA telah didefinisikan sebelumnya. Proses yang terjadi, user menekan tombol *generate data*, kemudian sistem akan menampilkan data DNA yang telah didefinisikan sebelumnya pada textbox yang tersedia. Setelah data DNA diproses, sistem kemudian akan menampilkan hasil pensejajaran pada tabcontrol *Naïve Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*.

3.2.2 Deskripsi Tombol Sejajarkan

Merupakan tombol untuk melakukan pensejajaran DNA. Hasil pensejajaran akan ditampilkan pada tabcontrol. Tab pertama akan menampilkan hasil pensejajaran DNA menggunakan algoritma *Naïve Brute Force* (Gambar 1) sedangkan tab kedua akan menampilkan hasil pensejajaran DNA menggunakan algoritma *Needleman-Wunsch* (Gambar 2). Proses yang terjadi, user menekan tombol sejajarkan, algoritma *Naïve Brute Force* akan mengambil data DNA spesies A dan DNA spesies B, kemudian kedua DNA tersebut disejajarkan secara traversal. Hasil pensejajaran akan ditampilkan pada tabcontrol *Naïve Brute Force*. Hasilnya berupa kesimpulan dan karakter DNA yang sejajar. Sedangkan, algoritma *Needleman-Wunsch* akan mengambil data DNA spesies A, DNA Spesies B, nilai kecocokan, nilai ketidakcocokan, nilai penalti, dan batas minimal nilai kecocokan. Kemudian kedua DNA tersebut disejajarkan dan dicari jalurnya berdasarkan matriks yang terbentuk.

Program Studi Teknik InFormatika	DPPL	11/14
Dokumen ini dan inFormasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik InFormatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik InFormatika		

Hasilnya berupa matriks, nilai kecocokan maksimum, jalur DNA A, jalur DNA B, dan kesimpulan.

3.2.3 Deskripsi Tombol Clear

Merupakan tombol untuk melakukan penghapusan terhadap data-data yang telah diinputkan maupun hasil pensejajaran yang ditampilkan. Proses yang terjadi, user menekan tombol *clear*, kemudian sistem akan menghapus semua data DNA maupun hasil pensejajaran, dengan demikian user dapat memasukkan data yang baru.

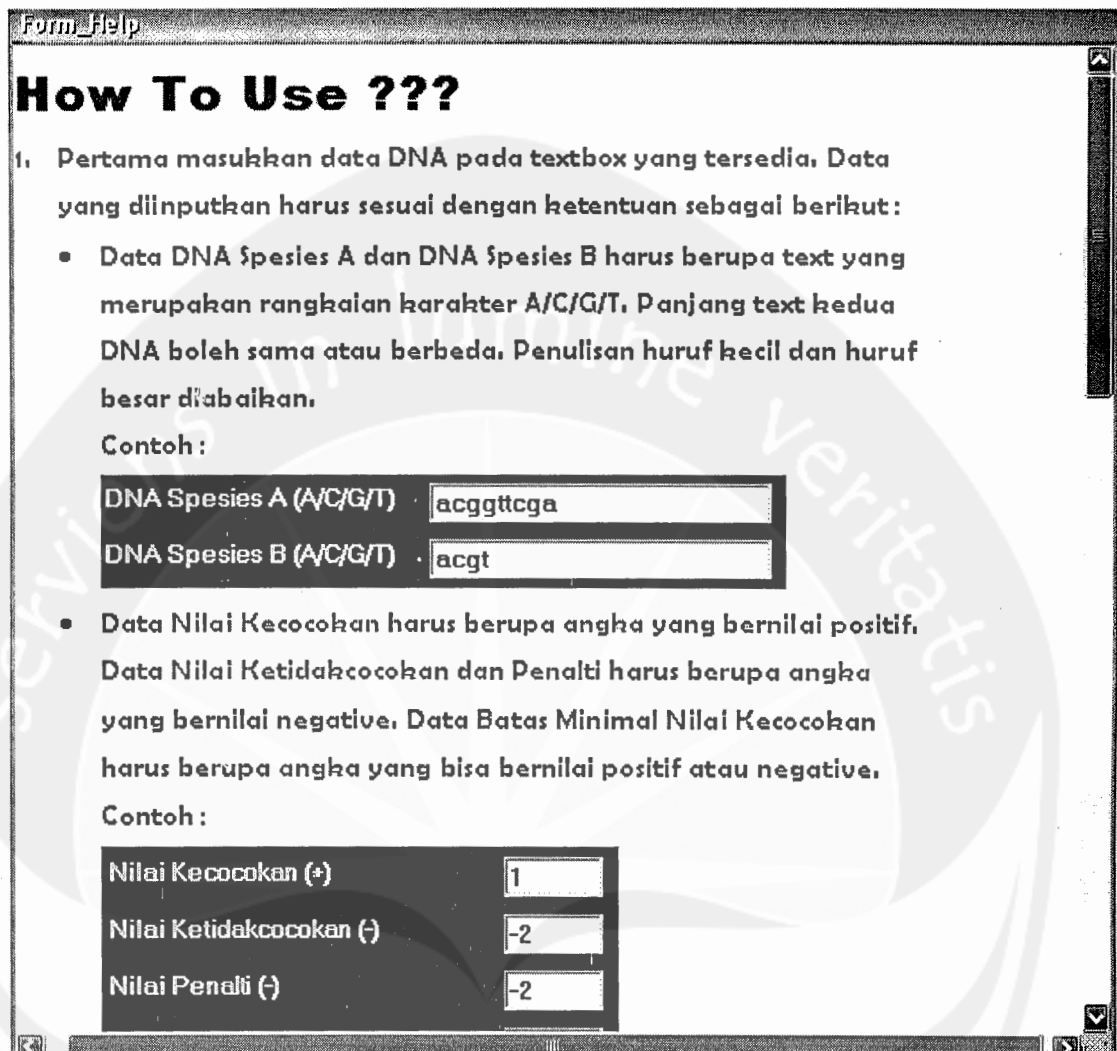
3.2.4 Deskripsi Tombol Keluar

Merupakan tombol untuk keluar dari sistem.

3.3 Antar Muka Help

Merupakan *Form* bantuan yang digunakan untuk memberikan inFormasi kepada user tentang bagaimana cara menggunakan aplikasi ini. Melalui *Form* ini, user dapat mengetahui data-data valid yang dapat diterima oleh sistem, tampilan hasil pensejajaran dan disertai juga dengan contoh.

Program Studi Teknik InFormatika	DPPL	12/14
Dokumen ini dan inFormasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik InFormatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik InFormatika		

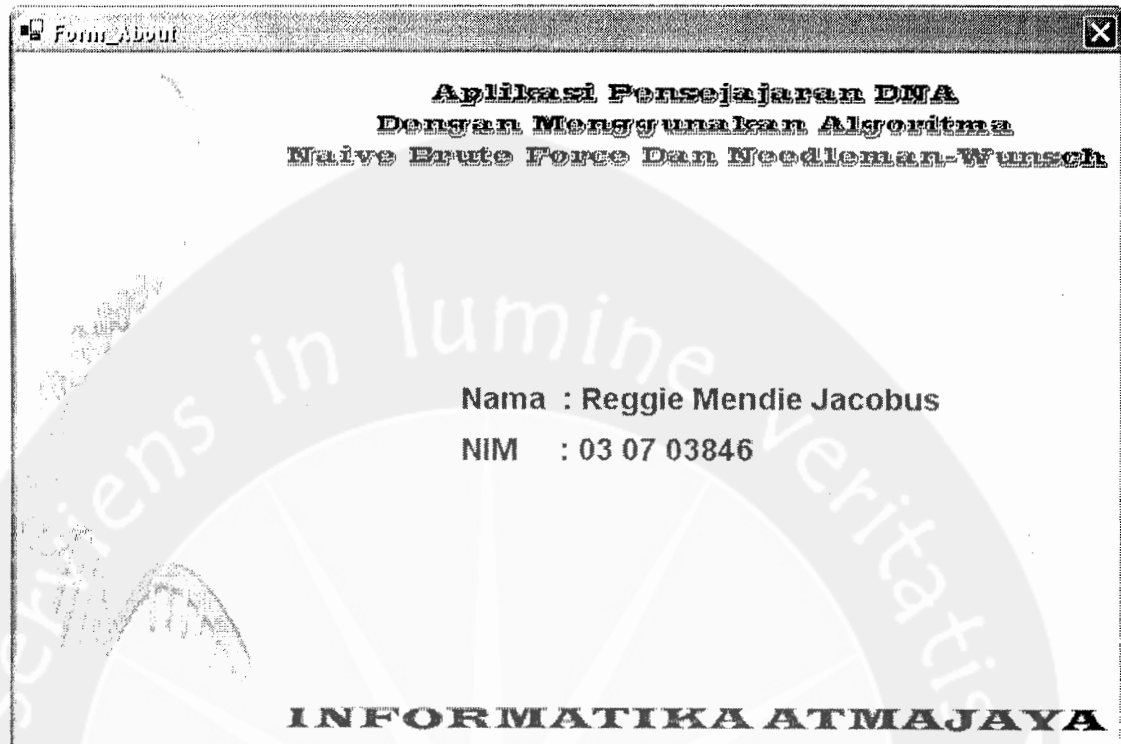


Gambar 3.4 Antarmuka Help

3.4 Antar Muka About

Merupakan *Form* yang berisi inFormasi tentang aplikasi yang dibuat dan mahasiswa.

Program Studi Teknik InFormatika	DPPL	13/14
Dokumen ini dan inFormasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik InFormatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik InFormatika		



Gambar 3.5 Antarmuka About

Program Studi Teknik InFormatika	DPPL	14/14
Dokumen ini dan inFormasi yang dimilikinya adalah milik Program Studi Teknik InFormatika-UAJY dan bersifat rahasia. Dilarang untuk me-reproduksi dokumen ini tanpa diketahui oleh Program Studi Teknik InFormatika		